УДК 634.11:632.2:575.113 (470)
Код ВАК 4.1.1
https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1885-1895

Выявление комплексных источников яблони с устойчивостью к парше и повышенным потенциалом лежкости плодов с помощью маркер-вспомогательной селекции (МВС)

М. А. Должикова✉, **А. В. Пикунова, Т. В. Янчук, В. Е. Колмыкова, А. А. Павленко**
Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур,
д. Жилина, Орловская область, Россия
✉*E-mail: dolzhikova.mari94@mail.ru*

Аннотация. Представлены результаты многолетнего изучения (2017–2025 гг.) гибридного фонда яблони ВНИИСПК по комплексу хозяйственно ценных признаков, а именно по устойчивости к парше и лежкости плодов. **Цель** – отбор комплексных источников гибридных форм яблони на основе изучения аллельного полиморфизма гена *Md-PG1* (лежкость плодов) и гена устойчивости к парше (*Vf*) как потенциально перспективных в дальнейшей селекции. **Методы.** Исследования проводились с применением ПЦР-анализа и разделения продуктов путем электрофореза. **Научная новизна.** Проведен многолетний анализ аллельного полиморфизма генов *Vf (Rvi6)* и *Md-PG1* у гибридных форм яблони. **Результаты.** За период 2019–2025 гг. был выявлен 101 комплексный гибрид от 20 форм скрещиваний. По гену *Rvi6* выявлено 1126 гибридов, по гену *Rvi2* – 44 гибрида, по гену *Rvi5* – 17 гибридов, маркеры гена *Rvi4* в анализируемой ДНК коллекции обнаружены не были. Расщепление по маркеру VFC варьируется от 36,7 % (в семье 6351) до 75,9 % (в семье 6388). Высокий процент расщепления (60–75% и выше) наблюдается в семьях 6354, 6388, 6389. Родители данных семей несут ген *Vf*. Для дальнейшей селекционной работы как кандидаты в сорта особого внимания заслуживают 6 отборных сеянцев яблони (носители гена *Vf):* 34-15-83 (Веньяминовское × 13-6-106); 34-15-111 (Веньяминовское × 25-37-45 (Орловская Гирлянда × Уэлси 4х)); 34-16-1 (Строевское × 25-37-45); 34-16-57 (Веньяминовское × Ветеран); 34-18-137 (Строевское × 29-40-99) и 34-21-20 (Антоновка обыкновенная × 30-47-88). По комплексу признаков (объединение в одном геноме *Md-PG1* и *Vf*) особое внимание для дальнейшей селекционной работы заслуживают 6 отборных сеянцев яблони: 35-10-107 (64-50 × Имрус); 35-11-171 (Имрус × 31-5-42); 35-11-191 (Имрус × 31-5-42); 35-16-251 и 35-16-257 (Северный Синап × Имрус); 35-16-284 (Северный Синап × Имрус).

Ключевые слова: генофонд, маркер-вспомогательная селекция, парша, гены устойчивости, *Md-PG1*, *Vf*, ДНК-маркеры

Благодарности. Работа выполнена по проекту «Разработка технологий ускоренной селекции плодовых культур» в рамках программы создания и развития селекционно-семеноводческого центра при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, соглашение номер 075-15-2025-241.

Для цитирования: Должикова М. А., Пикунова А. В., Янчук Т. В., Колмыкова В. Е., Павленко А. А. Выявление комплексных источников яблони с устойчивостью к парше и повышенным потенциалом лежкости плодов с помощью маркер-вспомогательной селекции (МВС) // Аграрный вестник Урала. 2026. Т. 26, № 10. С. 1885–1895. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1885-1895.

Дата поступления статьи: 03.03.2026, ***дата рецензирования:*** 10.06.2026, ***дата принятия:*** 02.09.2026.

© Dolzhikova M. A., Pikunova A. V., Yanchuk T. V., Kolmykova V. E., Pavlenko A. A., 2026

Identification of complex apple sources with scab resistance and increased fruit keeping capacity using marker-assisted selection (MAS)

M. A. Dolzhikova✉, **A. V. Pikunova, T. V. Yanchuk, V. E. Kolmykova, A. A. Pavlenko**
Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Zhilina village, Orel region, Russia
✉*E-mail: dolzhikova.mari94@mail.ru*

Abstract. The article presents the results of a scab resistance and postharvest storability long-term study (2017–2025) of the apple populations of Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding (VNIISPK). **The purpose** of the study was to select apple seedlings with a complex of traits by allelic polymorphism of *Md-PG1* (postharvest storability) and *Vf* (scab resistance) for further breeding programs. **Methods.** The studies were conducted using PCR analysis and gel electrophoresis. **Scientific novelty**. A long-term analysis of allelic polymorphism in *Vf* and *Md-PG1* genes of apple populations has been conducted. **Results.** During 2019–2025, we identified 101 apple seedlings with a set of traits. In our study we identified 1126 seedlings with *Rvi6* gene, 44 with *Rvi2*, and 17 with *Rvi5*. Samples with Rvi4 gene markers were not detected. Segregation by the VFC marker varies from 36.7 % (population 6351) to 75.9 % (population 6388). A high percentage of segregation (60–75 % and higher) was observed in populations No. 6354, 6388, and 6389. The parents of these populations have *Vf* gene. The following 6 selected apple seedlings (with *Vf* gene) are recommended for further breeding work: 34-15-83 (Ven'yaminovskoe × 13-6-106); 34-15-111 (Ven'yaminovskoe × 25-37-45 (Orlovskaya Girlyanda × Uelsi 4x)); 34-16-1 (Stroevskoe × 25-37-45); 34-16-57 (Venyaminovskoe × Veteran); 34-18-137 (Stroevskoe × 29-40-99) and 34-21-20 (Antonovka obyknovennaya × 30-47-88). According to the complex of traits (combination of *Md-PG1* and *Vf* in one genome), 6 selected apple seedlings deserve special attention for further breeding work: 35-10-107 (64-50 × Imrus); 35-11-171 (Imrus × 31-5-42); 35-11-191 (Imrus × 31-5-42); 35-16-251 and 35-16-257 (Severnyy Sinap × Imrus); 35-16-284 (Severnyy Sinap × Imrus).

***Keywords*:** gene pool, marker-assisted selection, scab, resistance genes, *Md-PG1*, *Vf*, DNA markers

Acknowledgments. This study was carried out under the project "Development of technologies for the accelerated breeding of fruit crops" as part of the program for the establishment and development of a breeding and seed production center, with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (Agreement No. 075-15-2025-241).

For citation: Dolzhikova M. A., Pikunova A. V., Yanchuk T. V., Kolmykova V. E., Pavlenko A. A. Identification of complex apple sources with scab resistance and increased fruit keeping capacity using marker-assisted selection (MAS). *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2026; 26 (10): 1885–1895. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1885-1895. (In Russ.)

Дата поступления статьи: 03.03.2026, ***дата рецензирования:*** 10.06.2026, ***дата принятия:*** 02.09.2026.

Постановка проблемы (Introduction)

Биоресурсная коллекция яблони Всероссийского научно-исследовательского института селекции плодовых культур (ВНИИСПК) включает 731 сорт, 287 отборных форм, 104 элитные формы и гибридный фонд, который составляет 11 093 гибридных сеянцев (https://vniispk.ru/pages/unu). История селекционной программы яблони в институте началась еще в 1976 году. Одной из основных целей селекции было и остается создание сортов, обладающих устойчивостью к парше. Значительным достижением стал сорт Имрус (Иммунный русский), который первым из отечественных сортов получил официальное признание и был районирован в 1996 году. На сегодняшний день во ВНИИСПК созданы и успешно прошли государственную регистрацию 23 сорта яблони, обладающие иммунитетом к парше [1–3]. В целях ускорения традиционного селекционного процесса остается актуальным применение методов маркер-вспомогательной селекции (МВС). Наша исследовательская группа на протяжение длительного времени ведет направление по апробации и внедрению методик МВС для плодовых и ягодных культур [4–6], в том числе для яблони по устойчивости к парше и выявлению сортов и гибридов с повышенным потенциалом лежкости плодов.

Парша (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint) – одно из самых вредоносных заболеваний яблони как в России, так и во всем мире [7–10]. В настоящее время известен целый ряд генов устойчивости [11], которые были перенесены в геном культурных сортов яблони (*Malus domestica*) от их диких сородичей (*M.* × *floribunda*, *M.* × *baccata*, *M. prunifolia*, *M. atrosanguinea* и др.). Ген *Vf* (*Rvi6* в новой клас-

© Должикова М. А., Пикунова А. В., Янчук Т. В., Колмыкова В. Е., Павленко А. А., 2026

сификации [12]) был привлечен в селекцию путем скрещивания *M. floribunda 821* с сортом Rome Beauty. Однако преодоление гена уже наблюдается в некоторых странах, в том числе Беларуси, Польше, России [13]. Первые сообщения о поражении появились в Европе в конце XX века, сравнительно недавно обнаружили поражение на *M. floribunda 821* в Америке [14]. В исследованиях нашей научной группы в условиях Орловской области в селекционных садах ФГБНУ ВНИИСПК в период 2022–2023 годов проводилась оценка 16 сортов яблони, известных как иммунные к парше (с геном *Vf*) [15]. Было обнаружено поражение на 9 из 16 сортов. При этом в условиях Орловской области поражение паршой на дереве вида *M. floribunda* не обнаружено. По результатам 10-летнего мониторинга рас парши в 14 странах (преимущественно европейских) сделаны выводы о перспективности использования для пирамидирования таких генов как *Rvi2*, *Rvi4*, *Rvi5*, *Rvi9*, *Rvi12* и *Rvi14*, для которых вирулентные расы обнаружены, но встречаются редко [11].

Не менее важным направлением в маркер-вспомогательной селекции яблони является селекция на длительную сохранность плодов. В настоящее время известен целый ряд генов, влияющих на данный признак посредством детерминирования различных физиологических процессов. В процессе хранения плодов яблони под воздействием этилена на активность ферментных систем происходит ферментативное разрушение клеточных стенок и ламеллярного слоя в плодах. Один из данных ферментов – полигалактуроназа – вовлечен в процесс деградации пектина, который приводит к размягчению богатых пектином слоев ткани плодов [16]. Главный локус количественного признака *Md-PG1*, расположенный на 10 ГС (группе сцепления), детерминирует активность этиленозависимой эндополигалактуроназы и влияет на процесс размягчения мякоти плодов при хранении [17]. Для гена *Md-PG1* в настоящее время идентифицированы ДНК-маркеры. Присутствие комбинаций аллелей с разной длиной SSR повтора локуса Md-pg10kd влияет на показатели плотности мякоти плода при хранении: нежелательная (худшие показатели плотности мякоти) – аллель 319 п. н. в гомозиготе; наилучшие показатели по плотности мякоти обуславливает сочетание аллелей, при котором аллель 319 п. н. отсутствует: 310, 313, 310:313 п. н.; средние показатели качества мякоти обуславливают сочетания с нежелательной аллелью 319 п. н. в гетерозиготе: 310:319 и 313:319 п.н. Цель данных исследований – маркерный отбор комплексных источников гибридных форм яблони на основе изучения аллельного полиморфизма гена *Md-PG1* (лежкость плодов) и генов устойчивости к парше для повышения эффективности процесса селекции.

Методология и методы исследования (Methods)

Исследования проводились в лаборатории молекулярной генетики отдела биотехнологии и молекулярной генетики. ДНК отбирали в селекционных насаждениях ВНИИСПК (д. Жилина) в 2017–2025 годах. Выделение ДНК проводили из свежесобранных молодых листьев CTAB методом [18].

Для идентификации генов устойчивости к парше использованы SSR-маркеры и SCAR-маркеры: *Rvi6* (*Vf*) – маркеры VFC, CH-Vf1; *Rvi2* (*Vh2*) – маркеры OPL19, CH02b10; *Rvi4 (Vh4*, *Vx*, *Vr1*) – маркеры CH02c02a и S22-SCAR, и *Rvi5* (*Vm*) – маркер Hi07h02 и маркер гена *Md-PG1* – Md-pg1_10kd (таблица 1).

В качестве объектов исследований выступали 48 гибридных семей, тетраплоидные, элитные и отборные сеянцы от различных вариаций скрещиваний. Всего проанализировано 2079 гибридных образцов, а также их родительские формы.

Результаты (Results)

В настоящее время идентифицированный состав ДНК коллекции яблони ВНИИСПК по гену *Rvi6 (Vf)* насчитывает более 3000 образцов, включающих сорта отечественной селекции, отборные и элитные сеянцы и гибридные формы от различных вариаций скрещиваний. На основе использования метода ДНК-маркирования постоянно увеличивается идентифицированный гибридный фонд. Тестирование на наличие гена *Vf* по маркеру VFC проводили для каждой гибридной семьи яблони, участвующей в исследовании, так как данный ген определяет устойчивость к наибольшему количеству рас парши. В таблице 2 представлены гибридные семьи, включающие не менее 30 сеянцев.

Разброс изученных образцов по гибридным семьям весьма значительный – от 4 до 282 гибридов. Поэтому расщепление по маркеру гена *Vf* анализировалось в семьях с количеством гибридов более 30.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

Расщепление по потомству варьируется от 36,7 % (в семье 6351) до 75,9 % (семья 6388). Высокий процент расщепления (60–75 % и выше) наблюдается в семьях 6354 (Приокское *Vf* × Свежесть *Vf*), 6388 (Гирлянда *Vf* × 30-47-88 *Vf* 4х), 6389 (Гирлянда *Vf* × 34-21-39) – 74,3 %. Всего за период исследований ген *Vf* был выявлен у 1081 гибридного сеянца, у 21 тетраплоидного сеянца, у 19 отборных сеянцев и у 5 элитных сеянцев.

С работой по выявлению гена устойчивости к парше на большинстве гибридных семей проводились исследования по выявлению присутствия комбинаций аллелей с разной длиной SSR повтора локуса Md-pg10kd, связанного с показателями плотности мякоти плода при хранении. На основании результатов выполненной работы были идентифицированы гибриды, несущие селекционно-ценные аллели гена *Md-PG1* (рис. 1).

Таблица 1

Гены и маркеры, используемые в работе

Ген	Маркер	5’-3’ последовательность	Ссылка на источник
Md-PG1	Md-pg1_10kd	F: AAAAGGTATGACCATGATTTCT TCCTTGGGTTTTTGG R: GTTTACTCGTGCGCCAGATAGC	[16]
Rvi6 (Vf)	VFC	F: GGT-TTC-CAA-AGT-CCA-ATT-CC R: CGTTAGCATTTTGAGTTGAC	[19]
	CH-Vf1	F: ATCACCACCAGCAGCAAAG R: CATACAAATCAAAGCACAACCC	[20]
Rvi2 (Vh2)	OPL19	F: ACCTGCACTACAATCTTCACTAATC R: GACTCGTTTCCACTGAGGATATTTG	[21]
	CH02b10	F: CAAGGAAATCATCAAAGATTCAAG R: CAAGTGGCTTCGGATAGTTG	[22]
Rvi4 (Vh4, Vx, Vr1)	CH02c02a	F: CTTCAAGTTCAGCATC AAGACAA R: TAGGGCACACTTGCTGGTC	[22]
	S22-SCAR	F: GTCGTGGAAGAGGACCGA R:GTCGTGGAAATCCTCGTGAG	[23]
Rvi5 (Vm)	Hi07h02	F: CAAATTGGCAACTGGGTCTG R: GTTTAGGTGGAGGTGAAGGGATG	[24]

Table 1

Genes and markers used in the study

Gene	*Marker*	*5’-3’ sequence*	*Literature*
Md-PG1	*Md-pg1_10kd*	*F: AAAAGGTATGACCATGATTTCT TCCTTGGGTTTTTGG R: GTTTACTCGTGCGCCAGATAGC*	*[16]*
Rvi6 (Vf)	*VFC*	*F: GGT-TTC-CAA-AGT-CCA-ATT-CC R: CGTTAGCATTTTGAGTTGAC*	*[19]*
	CH-Vf1	*F: ATCACCACCAGCAGCAAAG R: CATACAAATCAAAGCACAACCC*	*[20]*
Rvi2 (Vh2)	*OPL19*	*F: ACCTGCACTACAATCTTCACTAATC R: GACTCGTTTCCACTGAGGATATTTG*	*[21]*
	CH02b10	*F: CAAGGAAATCATCAAAGATTCAAG R: CAAGTGGCTTCGGATAGTTG*	*[22]*
Rvi4 (Vh4, Vx, Vr1)	*CH02c02a*	*F: CTTCAAGTTCAGCATC AAGACAA R: TAGGGCACACTTGCTGGTC*	*[22]*
	S22-SCAR	*F: GTCGTGGAAGAGGACCGA R: GTCGTGGAAATCCTCGTGAG*	*[23]*
Rvi5 (Vm)	*Hi07h02*	*F: CAAATTGGCAACTGGGTCTG R: GTTTAGGTGGAGGTGAAGGGATG*	*[24]*

Таблица 2

Результаты молекулярно-генетического анализа гибридов на наличие ДНК-маркера гена *Vf*

№	Гибридная популяция	Общее количество	Количество сеянцев с *Vf* (VFC), %	Количество сеянцев с *Md-PG1**, %
1	6349 (Приокское *Vf* × Краса Свердловска)	33	16 (48,5)	5 (15,2)
2	6338 (Свежесть *Vf* × Болотовское *Vf*)	35	24 (68,6)	–
3	6342 (Свежесть *Vf* × 31-5-15)	36	15 (41,7)	0
4	6356а (Созвездие *Vf* × Памяти Хитрово *Vf*)	36	18 (50)	9 (25)
5	6341 Свежесть *Vf* × 29-40-127 (Орлик × Reca)	38	17 (44,7)	1 (2,6)
6	6354 (Приокское *Vf* × Свежесть *Vf*)	40	30 (75)	10 (25)
7	6416 (Восторг *Vf* × Веньяминовское *Vf*)	43	26 (60,5)	5 (11,6)
8	6398 (Имрус *Vf* × Чистотел *Vm*)	46	31 (67,4)	16 (34,8)
9	6409 (Орлик × Веньяминовское *Vf*)	46	21 (45,7)	0
10	6356 (Восторг *Vf* × Болотовское *Vf*)	47	19 (40.4)	6 (12,8)
11	6351 (Созвездие *Vf* × 30-47-88 *Vf* 4х)	49	18 (36,7)	–

12	6398 (Имрус *Vf* × Чистотел *Vm*)	50	24 (48)	0
13	6303 (Северный синап × Приокское *Vf*)	54	23 (42,6)	8 (14,8)
14	Приокское × 30-47-88 *Vf*	55	23 (41,8)	10 (18,2)
15	6397 (Имрус *Vf* × 31-5-42 *Vr*)	56	33 (58,9)	14 (25)
16	6348 (Поэзия *Vf* × Краса Свердловска)	58	36 (62,1)	19 (32,8)
17	6389 (Гирлянда *Vf* × 34-21-39)	113	84 (74,3)	–
18	6403 (Северный Синап × Имрус *Vf*)	176	104 (59)	17 (9,7)
19	6387 (6450 × Имрус *Vf*)	201	140 (69,7)	4 (2)
20	6385 (Гирлянда *Vf* × Виньяминовское *Vf*)	202	111 (54,5)	5 (2,5)
21	6388 (Гирлянда *Vf* × 30-47-88 *Vf* 4x	282	214 (75,9)	–

*Примечание. * Наилучшее сочетание аллелей 310:313, 313:313.*

Table 2

Results of molecular genetic analysis of hybrids for the presence of the Vf gene DNA marker

No.	*Hybrid population*	*Quantity*	*Number of seedlings with Vf (VFC), %*	*Number of seedlings with Md-PG1*, %*
1	*6349 (Priokskoe Vf × Krasa Sverdlovska)*	*33*	*16 (48.5)*	*5 (15.2)*
2	*6338 (Svezhest' Vf × Bolotovskoe Vf)*	*35*	*24 (68.6)*	–
3	*6342 (Svezhest' Vf × 31-5-15)*	*36*	*15 (41.7)*	*0*
4	*6356a (Sozvezdie Vf × Pamyati Khitrovo Vf)*	*36*	*18 (50)*	*9 (25)*
5	*6341 (Svezhest' Vf × 29-40-127 (Orlik × Reca))*	*38*	*17 (44.7)*	*1 (2.6)*
6	*6354 (Priokskoe Vf × Svezhest' Vf)*	*40*	*30 (75)*	*10 (25)*
7	*6416 (Vostorg Vf × Ven'yaminovskoe Vf)*	*43*	*26 (60.5)*	*5 (11.6)*
8	*6398 (Imrus Vf × Chistotel Vm)*	*46*	*31 (67.4)*	*16 (34.8)*
9	*6409 (Orlik × Ven'yaminovskoe Vf)*	*46*	*21 (45.7)*	*0*
10	*6356 ((Vostorg Vf × Bolotovskoe Vf)*	*47*	*19 (40.4)*	*6 (12.8)*
11	*6351 (Sozvezdie Vf × 30-47-88 Vf 4x)*	*49*	*18 (36.7)*	–
12	*6398 (Imrus Vf × Chistotel Vm)*	*50*	*24 (48)*	*0*
13	*6303 (Severnyy Sinap × Priokskoe Vf)*	*54*	*23 (42.6)*	*8 (14.8)*
14	*Priokskoe × 30-47-88 Vf*	*55*	*23 (41.8)*	*10 (18.2)*
15	*6397 (Imrus Vf × 31-5-42 Vr)*	*56*	*33 (58.9)*	*14 (25)*
16	*6348 (Poeziya Vf × Krasa Sverdlovska)*	*58*	*36 (62.1)*	*19 (32.8)*
17	*6389 (Girlyanda Vf × 34-21-39)*	*113*	*84 (74.3)*	–
18	*6403 (Severnyy Sinap × Imrus Vf)*	*176*	*104 (59)*	*17 (9.7)*
19	*6387 (6450 × Imrus Vf)*	*201*	*140 (69.7)*	*4 (2)*
20	*6385 (Girlyanda Vf × Ven'yaminovskoe Vf)*	*202*	*111 (54.5)*	*5 (2.5)*
21	*6388 (Girlyanda Vf × 30-47-88 Vf 4x)*	*282*	*214 (75.9)*	–

*Note. * The best combination of alleles 310:313, 313:313.*

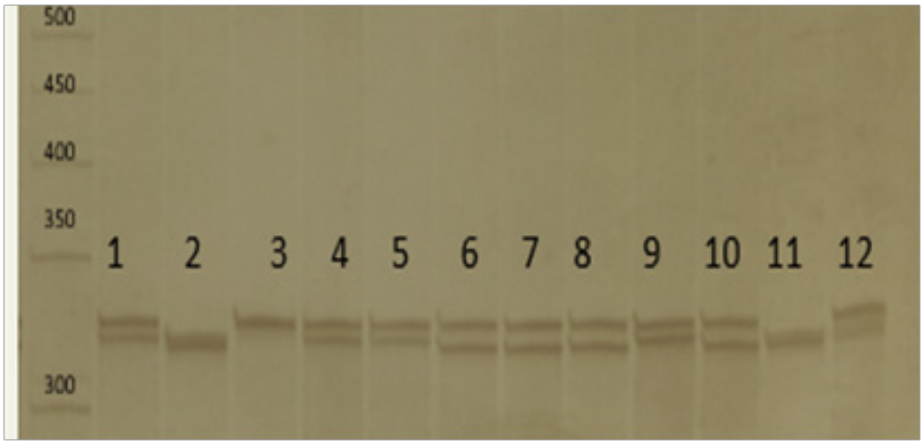
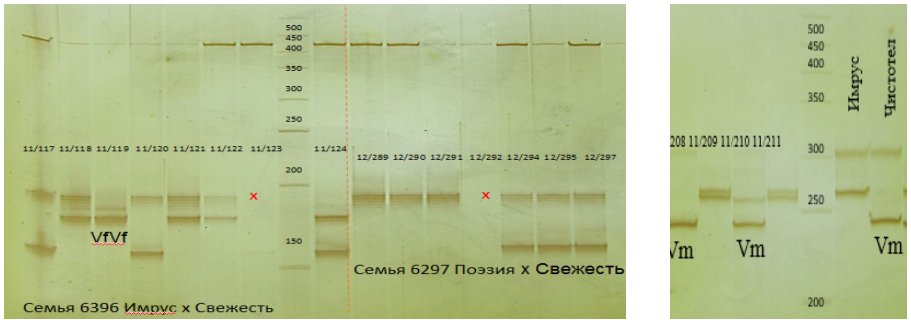


Рис. 1. Электрофореграмма ПЦР продуктов локуса Md-pg1_10 kd в 8 % ПААГ с окрашиванием нитратом серебра (размеры аллелей)

Fig. 1. Electrophoregram of PCR products of the Md-pg1_10 kd locus in 8 % PAGE, followed by silver nitrate staining



A *B*

Рис. 2. Детекция гена Vm и гомозиготной формы гена Vf: А. Амплификация в локусе Ch-Vf1. В. Детекция гена Vm (по локусу) Hi07h02 в семье 6398
Fig. 2. Detection of the Vm gene and the homozygous form of the Vf gene: A. Amplification at the Ch-Vf1 locus. B. Detection of the Vm gene (at the Hi07h02 locus) in family 6398



A *B*

Рис. 3. Локализация гена Rvi2(Vh2) и детекция: А. Положение гена Rvi2(Vh2) на хромосоме 2. В. Электрофореграмма маркера OPL19-SCAR на 1,7 % агарозном геле. Искомый фрагмент указан стрелкой
Fig. 3. Localization of the Rvi2(Vh2) gene and detection of the OPL19-SCAR marker: A. Position of the Rvi2(Vh2) gene on chromosome 2. B. Electrophoregram of the OPL19-SCAR marker on 1.7 % agarose gel. The desired fragment is indicated by the arrow

По маркеру *Md-PG1* с сочетанием аллелей 310:313, 313:313 наибольшее число гибридов выявлено в семье 6348 (Поэзия *Vf* × Краса Свердловска), наименьшее – в семье 6341 (Свежесть *Vf* × 29-40-127 (Орлик × Reca)). Во многих анализируемых семьях искомых сочетаний аллелей не обнаружено.

Для гена *Vf* также идентифицирован SSR-маркер CH-Vf1, локализованный на 1 ГС. Выявление гомозиготной формы гена *Vf* проводилось по анализу распределения аллелей от родителей потомству в микросателлитном локусе CH-Vf1 (рис. 2 А, В). Ген устойчивости яблони к парше *Rvi5* (*Vm*) расположен на 17 ГС и для него идентифицирован SSR ДНК-маркер Hi07h02 [24]. Данный ген привнесен селекционерами из форм яблони, принадлежащих к видам *M. atrosanguinea* 804 (гены *Vm* и *Vf*) и *M. micromalus* (ген *Vm*).

В семье 6396 (Имрус (*Vf*) × Свежесть (*Vf*)), обнаружено 3 гибрида с геном *Vf* в гомозиготной форме. В семье 6398 (Имрус (*Vf*) × Чистотел (*Vm*)) получены данные о полиморфизме локуса Hi07h02 сцепленного с геном *Vm*. Обнаружено 17 гибридов с геном *Vm* (рис. 2 В).

Ген *Vh4/Rvi4* имеет промежуточный уровень поражения патогеном в Орловской области. Данный уровень (средний балл – до 3) был зафиксирован для формы TSR33T239 (потомок формы Russian apple R12740-7A), для формы А 723-6 (имеет ген *Va/Rvi10*, обнаружен у потомков Антоновки обыкновенной), для формы J34 (F1 от сорта Dolgo, *Vdg/Rvi9*) [25].

Детекция гена *Rvi4* проводилась в трех семьях 6397 (Имрус *Vf* × 31-5-42 *Vr*), 6265 (Орлик × 31-5-42 *Vr* (Северный синап × Reca)), 6298 (Поэзия *Vf* × 31-5-42 *Vr*) по двум ДНК-маркерам. S22-SCAR не обнаружен ни у гибридов, ни у родителей семей. Амплификация наблюдалась только у положительного контроля – формы TSR33T239. В локусе CH02c02a искомая аллель также присутствовала лишь у положительного контроля. Маркер OPL19-SCAR изначально применяли для идентификации гена *Rvi2*. Впоследствии в непосредственной близости от него был обнаружен ген *Rvi8*. Установлено, что целевой продукт данного маркера – фрагмент ДНК длиной 433 п. н. амплифицируется как у носителей гена *Rvi2*, так и у носителей гена *Rvi8*, которые демонстрируют различную степень устойчивости при искусственном заражении отдельными расами парши [26; 27]. Ген *Rvi2(Vh2)* детектировали в трех семьях 6397 (Имрус *Vf* × 31-5-42 *Vr*), 6265 (Орлик × 31-5-42 *Vr*) (Северный синап × Reca)), 6298 (Поэзия *Vf* × 31-5-42 *Vr*) по двум фланкирующим ген ДНК-маркерам: CH02b10 и OPL19-SCAR. Согласно ис-

следованию [21] (рис. 3 А), ген находится между локусами CH02b10 и OPL19-SCAR. Наиболее близко на расстоянии 1 сМ (сантиморган) расположен OPL19-SCAR. CH02b10 локализован на расстоянии 8 сМ. В наших исследованиях OPL19-SCAR обнаружен у 44 генотипов (рис. 3 В).

В наших исследованиях оба фланкирующих маркера присутствуют у 14 генотипов, что говорит о наличии у них гена *Rvi2(Vh2)*. При анализе данных по наличию генов *Vf* и *Rvi2(Vh2)* выявлено 6 гибридов с двумя генами из семьи 6397. Сорт Поэзия отмечается наличием аллелей, сцепленных с генами устойчивости к парше, а именно *Vm* (Hi07h02), *Vf* (Vfa, CH-Vf1) [7]. Наибольший интерес для использования представляют сорта яблони, объединяющие полигенную и моногенную устойчивость к парше, к таким сортам относится сорт Имрус (Антоновка обыкновенная × OR18T13), который выступает как родительская форма во многих вариантах изучаемых скрещиваний. Сорт Имрус произошел от формы OR18T13 (потомок *M. Atrosanguinea* формы 804). В работах селекционеров Е. Н. Седова и В. В. Жданова [1] упоминается, что *M. Atrosanguinea* формы 804 имела два гена (*Vf* и *Vm*). Сорт Имрус известен своей устойчивостью к парше (абсолютная устойчивость к 1–5 расам), так же сорт выделяется как лежкий – съемная зрелость наступает в середине сентября.

За период исследований (2019–2025 годы) был выявлен 101 комплексный гибрид от 20 форм скрещиваний, несущих селекционно ценные аллели генов *Rvi6* и *Md-pg1* (таблица 3).

Данные образцы представляют особую ценность как исходный материал для дальнейшей работы по выведению новых сортов и как источник ценных селекционных аллелей. По комплексу признаков, в том числе объединение в одном геноме *Md-PG1* и *Vf*, особого внимания для дальнейшей селекционной работы заслуживают следующие отборные сеянцы (ОС) яблони:

35-10-107 (64-50 × Имрус) имеет плоды средней массы 110 г, средней одномерности. Оценка внешнего вида плодов – 4,3 балла. Плоды сохраняются до конца марта.

35-11-171 (Имрус × 31-5-42) имеет достаточно крупные плоды (150–170 г). Внешний вид плодов оценивается на 4,4 балла. В холодильнике плоды сохраняются до апреля. Оценка вкуса – 4,3. Отмечены единичные поражения плодов паршой на 1 балл.

35-11-191 (Имрус × 31-5-42) имеет среднюю массу плодов 110 г. Плоды сохраняются до конца февраля, вкус сладко-кислый, оценивается в 4,2 балла.

35-16-251 и 35-16-257 (Северный синап × Имрус). Плоды сохраняются до конца февраля.

35-16-284 (Северный синап × Имрус). Плоды сохраняются до конца февраля.

Для дальнейшей селекционной работы и как кандидаты в сорта особого внимания заслуживают отборные сеянцы яблони – носители гена *Vf*:

34-15-83 (Веньяминовское × 13-6-106). Триплоидный, с плодами позднезимнего срока созревания. Плоды сохраняются до первой декады апреля.

Таблица 3

Комплексные доноры

Гибридная семья	Количество комплексных источников (*Vf* + *Md-PG1*)	% от общего количества сеянцев в семье, шт.
6348 (Поэзия *Vf* × Краса Свердловска)	11	17,1 (64)
6349 (Приокское *Vf* × Краса Свердловска)	4	16 (25)
6354 (Приокское *Vf* × Свежесть *Vf*)	7	17,5 (40)
6356а (Созвездие *Vf* × Памяти Хитрово *Vf*)	5	19,2 (26)
6353 (Поэзия *Vf* × Афродита *Vf*)	2	11,8 (17)
6348 (Поэзия *Vf* × Краса Свердловска)	1	–
6349 (Приокское *Vf* × Краса Свердловска)	1	–
6388 (Гирлянда *Vf* × 30-47-88 *Vf*)	4	2,9 (137)
6413 (Поэзия *Vf* 30-47-88 *Vf*)	3	14,3 (21)
6414 (Приокское *Vf* × 30-47-88 *Vf*)	3	10,7 (28)
6415 (Поэзия *Vf* × Имрус *Vf*)	2	16, 6 (12)
6420 (Имрус *Vf* × 30-47-88 *Vf*)	3	12 (25)
6424 (Свежесть × Афродита)	6	26 (23)
6396 (Имрус × Свежесть)	8	6,7 (119)
6397 (Имрус × 31-5-42)	8	14,3 (56)
6398 (Имрус *Vf* × Чистотел *Vm*)	11	23,9 (46)
6303 (Северный синап × Приокское)	2	3,7 (54)
6403 (Северный синап × Имрус)	11	14,3 (77)
6299 (Созвездие × 31-5-42)	1	3,1 (32)
Приокское × 30-47-88	8	14,3 (56)

Table 3

Complex donor

Hybrid family	*Number of complex donors (Vf + Md-PG1)*	*% of the total number of seedlings in the family*
6348 (Poeziya Vf × Krasa Sverdlovska)	*11*	*17.1 (64)*
6349 (Priokskoe Vf × Krasa Sverdlovska)	*4*	*16 (25)*
6354 (Priokskoe Vf × Svezhest' Vf)	*7*	*17.5 (40)*
6356a ((Sozvezdie Vf × Pamyati Khitrovo Vf)	*5*	*19.2 (26)*
6353 (Poeziya Vf × Afrodita Vf)	*2*	*11.8 (17)*
6348 (Poeziya Vf × Krasa Sverdlovska)	*1*	–
6349 (Priokskoe Vf × Krasa Sverdlovska)	*1*	–
6388 (Girlyanda Vf × 30-47-88 Vf)	*4*	*2.9 (137)*
6413 (Poeziya Vf 30-47-88 Vf)	*3*	*14.3 (21)*
6414 (Priokskoe Vf × 30-47-88 Vf)	*3*	*10.7 (28)*
6415 (Poeziya Vf × Imrus Vf)	*2*	*16.6 (12)*
6420 (Imrus Vf × 30-47-88 Vf)	*3*	*12 (25)*
6424 (Svezhest' × Afrodita)	*6*	*26 (23)*
6396 (Imrus × Svezhest')	*8*	*6.7 (119)*
6397 (Imrus × 31-5-42)	*8*	*14.3 (56)*
6398 (Imrus Vf × Chistotel Vm)	*11*	*23.9 (46)*
6303 (Severnyy sinap × Priokskoe)	*2*	*3.7 (54)*
6403 (Severnyy sinap × Imrus)	*11*	*14.3 (77)*
6299 ((Sozvezdie × 31-5-42)	*1*	*3.1 (32)*
Priokskoe × 30-47-88	*8*	*14.3 (56)*

34-15-111 (Веньяминовское × 25-37-45 (Орловская гирлянда × Уэлси 4х)). Триплоидный, плоды в холодильнике сохраняются до конца марта.

34-16-1 (Строевское × 25-37-45 (Орловская гирлянда × Уэлси 4х)). Триплоидный, с плодами осеннего срока созревания. В холодильнике плоды могут сохраняться до ноября.

34-16-57 (Веньяминовское × Ветеран). Плоды в холодильнике сохраняются до середины февраля.

34-18-137 (Строевское × 29-40-99 (Орлик × Reca)). Внешний вид оценивается в 4,5 балла. Вкус кисло-сладкий, оценивается в 4,3 балла.

34-21-20 (Антоновка обыкновенная × 30-47-88 (Либерти × 13-6-106)). Триплоидный, с плодами позднезимнего срока созревания. В холодильнике плоды сохраняются до первой декады апреля.

Проведена масштабная работа по поиску и идентификации на гибридном фонде яблони ВНИИСПК как гибридов, несущих ген устойчивости к парше по различным типам ДНК-маркеров, так и комплексных гибридов с генами устойчивости к парше и с повышенным потенциалом лежкости плодов. Практическая значимость заключается в возможности ускорения селекционного процесса, а именно в создании новых сортов с комплексной устойчивостью к парше и повышенным потенциалом лежкости плодов.

Библиографический список

1. Жданов В. В., Седов Е. Н. Селекция яблони на устойчивость к парше. Тула: Приокское кн. изд-во, 1991. 208 с.

2. Седов Е. Н., Янчук Т. В., Корнеева С. А. Новые диплоидные, триплоидные, иммунные к парше и колонновидные сорта яблони в совершенствовании сортимента // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2022. № 1. С. 25–31. DOI: 10.30850/vrsn/2022/1/25-31.

3. Седов Е. Н., Янчук Т. В., Корнеева С. А. Результаты 70-летней работы по созданию новых сортов яблони и внедрению их в производство // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2025. № 5. С. 46–51. DOI: 10.7868/S3034519725050089.

4. Должикова М. А., Пикунова А. В., Седов Е. Н., Серова З. М. ДНК-генотипирование гибридного фонда яблони ВНИИСПК на присутствие гена *Vf* устойчивости к парше // Современное садоводство. 2018. № 3 (27). С. 27–32.

5. Пикунова А. В., Должикова М. А., Галашева А. М. [и др.]. Валидация ДНК маркеров гена *MdMYBI* окраски плода яблони (*Malus* Mill.) // Достижения науки и техники АПК. 2025. Т. 39, № 11. С. 55–60. DOI: 10.53859/02352451_2025_39_11_55.

6. Должикова М. А. Анализ гибридного фонда яблони (*Malus* Mill.) на наличие ДНК-маркера гена *Vf* устойчивости к парше (*Venturia inaequalis*) // Селекция и сорторазведение садовых культур. 2022. Т. 9, № 1. С. 47–51. DOI: 10.24411/25000454_2022_0109.

7. Красова Н. Г., Пикунова А. В., Галашева А. М. Оценка исходного материала генофонда яблони по устойчивости к парше // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2020. № 6. С. 49–54. DOI: 10.30850/vrsn/2020/6/49-54.

8. Ульяновская Е. В., Чернуцкая Е. А., Балапанов И. М., Токмаков С. В. Оценка генетического разнообразия яблони по генам устойчивости к парше *Rvi2*, *Rvi3*, *Rvi5*, *Rvi15* // Садоводство и виноградарство. 2023. № 2. С. 21–27. DOI: 10.31676/0235-2591-2023-2-21-27.

9. López-Girona E., Kirk C., Deng C. H., et al. Fine-mapping, candidate gene identification, and marker development for the apple scab resistance gene *Rvi2* // Journal of Experimental Botany. 2026. Vol. 77, No. 6. Pp. 1647–1662. DOI 10.1093/jxb/eraf504.

10. Guzu G. M., Zagrai I., Hârţa M., et al. Genetic diversity of host-pathogen and breeding for resistance to *Venturia inaequalis* Cooke (Wint.): a review // Journal of Central European Agriculture. 2025. Vol. 26, No. 3. Pp. 694–709. DOI: 10.5513/JCEA01/26.3.4621.

11. Patocchi A., Wehrli A., Dubuis P. H., et al. Ten years of VINQUEST: First insight for breeding new apple cultivars with durable apple scab resistance // Plant Disease. 2020. No. 8. Pp. 2074–2081. DOI: 10.1094/PDIS-11-19-2473-SR.

12. Bus V. G., Rikkerink E. H., Caffier V., Durel C. E., Plummer K. M. Revision of the nomenclature of the differential host-pathogen interactions of *Venturia inaequalis* and *Malus* // Annual Review of Phytopathology. 2011. Vol. 49, No. 1. Pp. 391–413. DOI: 10.1146/annurev-phyto-072910-095339.

13. Masny S. Occurrence of *Venturia inaequalis* races in Poland able to overcome specific apple scab resistance genes // European Journal of Plant Pathology. 2017. Vol. 147, No. 2. Pp. 313–323. DOI: 10.1007/s10658-016-1003-x.

14. Papp D. Gangadharappa Harigondra S., Paredes C., et al. Strong genetic differentiation between generalist populations of *Venturia inaequalis* and populations from partially resistant apple cultivars carrying *Rvi3* or *Rvi5* // Diversity. 2022. Vol. 14, No. 12. DOI: 10.3390/d14121050.

15. Должикова М. А., Янчук Т. В., Галашева А. М, Корнеева С. А., Павленко А. А. Поражение паршой (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) яблони (*Malus domestica* Borkh.) некоторых сортов с геном *Vf* (*Rvi6*) на территории Орловской области // Аграрный вестник Урала. 2024. Т. 24, № 11. С. 1396–1405. DOI: 10.32417/1997-4868-2024-24-11-1396-1405.

16. Longhi S., Hamblin M. T., Trainotti L., et al. Candidate gene based approach validates *Md-PG1* as the main responsible for a QTL impacting fruit texture in apple (*Malus* × *domestica* Borkh) // BMC Plant Biology. 2013. Vol. 13, No. 1. DOI: 10.1186/1471-2229-13-37.

17. Moriya S., Kunihisa M., Okada K., et al. Identification of QTLs for flesh mealiness in apple (*Malus*× *domestica* Borkh.) // The Horticulture Journal. 2017. Vol. 86, No. 2. Pp. 159–170. DOI: 10.2503/hortj.MI-156.

18. Doyle J. J. Isolation of plant DNA from fresh tissue // Focus. 1990. Vol. 12. Pp. 13–15.

19. Afunian M. R., Goodwin P. H., Hunter D. M. Linkage of *Vfa4* in *Malus* × *domestica* and *Malus floribunda* with *Vf* resistance to the apple scab pathogen *Venturia inaequalis* // Plant Pathology. 2004. Vol. 53, No. 4. Pp. 461–467. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2004.01047.x.

20. Vinatzer B. A., Patocchi A., Tartarini S., et al. Isolation of two microsatellite markers from BAC clones of the *Vf* scab resistance region and molecular characterization of scab-resistant accessions in *Malus* germplasm // Plant Breeding. 2004. Vol. 123, No. 4. Pp. 321–326. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2004.00973.x.

21. Bus V. G. M., Laurens F. N. D., Van de Weg W. E., et al. The *Vh8* locus of a new gene-for-gene interaction between *Venturia inaequalis* and the wild apple *Malus sieversii* is closely linked to the *Vh2* locus in *Malus pumila* R12740-7A // New Phytologist. 2005. Vol. 166, No. 3. Pp. 1035–1049. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2005.01395.x.

22. Patocchi A., Frei A., Frey J. E., Kellerhals M. Towards improvement of marker assisted selection of apple scab resistant cultivars: *Venturia inaequalis* virulence surveys and standardization of molecular marker alleles associated with resistance genes // Molecular Breeding. 2009. Vol. 24, No. 4. Pp. 337–347. DOI: 10.1007/s11032-009-9295-6.

23. Hemmat M., Brown S. K., Weeden N. F. Tagging and mapping scab resistance genes from R12740-7A apple // Journal of the American Society for Horticultural Science. 2002. Vol. 127, No. 3. Pp. 365–370.

24. Patocchi A., Walser M., Tartarini S., et al. Identification by genome scanning approach (GSA) of a microsatellite tightly associated with the apple scab resistance gene *Vm* // Genome. 2005. Vol. 48, No. 4. Pp. 630–636. DOI: 10.1139/g05-036.

25. Пикунова А. В., Седов Е. Н. Расовый состав *Venturia inaequalis* в условиях Орловской области // Микология и фитопатология. 2019. Т. 53, № 5. С. 293–300. DOI: 10.1134/S0026364819050040.

26. Лыжин А. С., Савельева Н. Н. Маркер-опосредованный скрининг иммунных к парше (*Rvi6* + *Rvi4*) генотипов яблони // Плодоводство и виноградарство Юга России. 2021. № 67. DOI: 10.30679/2219-5335-2021-1-67-1-9.

27. Савельева Н. Н., Юшков А. Н., Земисов А. С. [и др.]. Обеспечение стабильности устойчивости генотипов яблони к грибу *Venturia inaequalis* (Cooke) Wiht // Биосфера. 2022. Т. 14, № 4. С. 384–386.

Об авторах:

Мария Александровна Должикова, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики отдела биотехнологии и молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0002-2641-2172, AuthorID 971277. *E-mail: dolzhikova.mari94@mail.ru*

Анна Викторовна Пикунова, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики отдела биотехнологии и молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0003-4269-4250, AuthorID 750838. *E-mail: pikunova@orel.vniispk.ru*

Татьяна Владимировна Янчук, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории селекции семечковых культур, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0003-4077-7095, AuthorID 607593. *E-mail: yanchuk@orel.vniispk.ru*

Виктория Евгеньевна Колмыкова, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики отдела биотехнологии и молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0009-0003-9604-7080, AuthorID 1113302. *E-mail: kolmykova@orel.vniispk.ru*

Анна Андреевна Павленко, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики отдела биотехнологии и молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0002-7664-8896, AuthorID 1035311 *E-mail: pavlenko@orel.vniispk.ru*

References

1. Zhdanov V. V., Sedov E. N. *Apple breeding for scab resistance.* Tula: Priokskoe knizhnoe izdatel'stvo, 1991. 208 p. (In Russ.)

2. Sedov E. N., Yanchuk T. V., Korneeva S. A. New diploid, triploid, immunal to scab and column-like apple tree varieties in assortment improvement. *Vestnik of the Russian Agricultural Science.* 2022; 1: 25–31. DOI: 10.30850/vrsn/2022/1/25-31. (In Russ.)

3. Sedov E. N., Yanchuk T. V., Korneeva S. A. Results of 70 years work to bread new apple varieties and introduce them into production. *Vestnik of the Russian Agricultural Science.* 2025; 46–51. DOI: 10.7868/S3034519725050089. (In Russ.)

4. Dolzhikova M. A., Pikunova A. V., Sedov E. N., Serova Z. M. DNA genotyping of the hybrid fund of apple VNIISPK for the presence of VFC DNA marker for resistance to scab. *Contemporary Horticulture*. 2018; 3 (27): 27–32. (In Russ.)

5. Pikunova A. V., Dolzhikova M. A., Galasheva A. M., et al. Validation of DNA markers of the MdMYB1 gene of apple fruit colour (*Malus* Mill.). *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2025; 39 (11): 55–60. DOI: 10.53859/02352451_2025_39_11_55. (In Russ.)

6. Dolzhikova M. A. Analysis of the apple tree (*Malus* Mill.) hybrid fund for the presence of the DNA marker of the *Vf* gene of resistance to scab (*Venturia inaequalis*). *Breeding and Variety Cultivation of Fruit and Berry Crops*. 2022; 9 (1): 47–51. DOI: 10.24411/25000454_2022_0109. (In Russ.)

7. Krasova N. G., Pikunova A. V., Galasheva A. M. Assessment of initial material of an apple tree gene pool to scab resistance. *Vestnik of the Russian Agricultural Science.* 2020; 6: 49–54. DOI: 10.30850/vrsn/2020/6/49-54 (In Russ.)

8. Ulyanovskaya E. V., Chernutskaya E. A., Balapanov I. M., Tokmakov S. V. Evaluation of apple genetic diversity by *RVI2, RVI3, RVI5, RVI15* scab resistance genes. *Horticulture and Viticulture*. 2023; 2: 21–27. DOI: 10.31676/0235-2591-2023-2-21-2. (In Russ.)

9. López-Girona E., Kirk C., Deng C. H., et al. Fine-mapping, candidate gene identification, and marker development for the apple scab resistance gene *Rvi2*. *Journal of Experimental Botany.* 2026; 77 (6): 1647–1662. DOI: 10.1093/jxb/eraf504.

10. Guzu G. M., Zagrai I., Hârţa M., et al. Genetic diversity of host-pathogen and breeding for resistance to *Venturia inaequalis* Cooke (Wint.): a review. *Journal of Central European Agriculture*. 2025; 26 (3): 694–709. DOI: 10.5513/JCEA01/26.3.4621.

11. Patocchi A., Wehrli A., Dubuis P. H., et al. Ten years of VINQUEST: first insight for breeding new apple cultivars with durable apple scab resistance. *Plant Disease*. 2020; 104 (8): 2074–2081. DOI: 10.1094/PDIS-11-19-2473-SR.

12. Bus V. G., Rikkerink E. H., Caffier V., Durel C. E., Plummer K. M. Revision of the nomenclature of the differential host-pathogen interactions of *Venturia inaequalis* and *Malus*. *Annual Review of Phytopathology*. 2011; 49 (1): 391–413. DOI: 10.1146/annurev-phyto-072910-095339.

13. Masny S. Occurrence of *Venturia inaequalis* races in Poland able to overcome specific apple scab resistance genes. *European Journal of Plant Pathology*. 2017; 147 (2): 313–323. DOI: 10.1007/s10658-016-1003-x.

14. Papp D. Gangadharappa Harigondra S., Paredes C., et al. Strong genetic differentiation between generalist populations of *Venturia inaequalis* and populations from partially resistant apple cultivars carrying *Rvi3* or *Rvi5*. *Diversity.* 2022; 14 (12): 1050. DOI: 10.3390/d14121050.

15. Dolzhikova M. A., Yanchuk T. V., Galasheva A. M., Korneeva S. A., Pavlenko A. A. Scab (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) lesion on some apple (*Malus domestica* Borkh.) varieties with the *Vf* gene (*Rvi6*) in Oryol region. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2024; 24 (11): 1396–1405. DOI: 10.32417/1997-4868-2024-24-11-1396-1405. (In Russ.)

16. Longhi S., Hamblin M. T., Trainotti L., Peace C. P., Velasco R., Costa F. A candidate gene based approach validates *Md-PG1* as the main responsible for a QTL impacting fruit texture in apple (*Malus* × *domestica* Borkh). *BMC Plant Biology.* 2013; 13 (1): 37. DOI: 10.1186/1471-2229-13-37.

17. Moriya S., Kunihisa M., Okada K., et al. Identification of QTLs for flesh mealiness in apple (*Malus*× *domestica* Borkh.). *The Horticulture Journal*. 2017; 86 (2): 159–170. DOI: 10.2503/hortj.MI-156.

18. Doyle J. J. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. 1990; 12: 13–15.

19. Afunian M. R., Goodwin P. H., Hunter D. M. Linkage of *Vfa4* in *Malus* × *domestica* and *Malus floribunda* with *Vf* resistance to the apple scab pathogen *Venturia inaequalis*. *Plant Pathology*. 2004; 53 (4): 461–467. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2004.01047.x.

20. Vinatzer B. A., Patocchi A., Tartarini S., et al. Isolation of two microsatellite markers from BAC clones of the *Vf* scab resistance region and molecular characterization of scab-resistant accessions in *Malus* germplasm. *Plant Breeding*. 2004; 123 (4): 321–326. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2004.00973.x.

21. Bus V. G. M., Laurens F. N. D., Van de Weg W. E., Rusholme R. L., Rikkerink E. H. A., Gardiner S. E., Bassett H. C. M., Kodde L. P., Plummer K. M. The *Vh8* locus of a new gene-for-gene interaction between *Venturia inaequalis* and the wild apple *Malus sieversii* is closely linked to the *Vh2* locus in *Malus pumila* R12740-7A. *New Phytologist*. 2005; 166 (3): 1035–1049. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2005.01395.x.

22. Patocchi A., Frei A., Frey J. E., Kellerhals. M. Towards improvement of marker assisted selection of apple scab resistant cultivars: *Venturia inaequalis* virulence surveys and standardization of molecular marker alleles associated with resistance genes. *Molecular Breeding*. 2009; 24 (4): 337–347.

23. Hemmat M., Brown S. K., Weeden N. F. Tagging and mapping scab resistance genes from R12740-7A apple. *Journal of the American Society for Horticultural Science.* 2002; 127 (3): 365–370.

24. Patocchi A., Walser M., Tartarini S., et al. Identification by genome scanning approach (GSA) of a microsatellite tightly associated with the apple scab resistance gene *Vm*. *Genome.* 2005; 48 (4): 630–636. DOI: 10.1139/g05-036.

25. Pikunova A. V., Sedov E. N. The racial composition of *Venturia inaequalis* in environments of the Oryol region. *Mycology and Phytopathology.* 2019; 53 (5): 293–300. DOI: 10.1134/S0026364819050040. (In Russ.)

26. Lyzhin A. S., Savelyeva N. N. Marker-mediated screening of apple genotypes immune to scab (*Rvi6* + *Rvi4*). *Fruit Growing and Viticulture of South Russia.* 2021; 67. DOI: 10.30679/2219-5335-2021-1-67-1-9. (In Russ.)

27. Savelyeva N. N., Yushkov A. N., Zemisov A. S., et al. Ensuring the stability of apple tree genotypes' resistance to the fungus *Venturia inaequalis* (Cooke) With. *Biosphere*. 2022; 14 (4): 384–386. (In Russ.)

Authors' information:

Mariya A. Dolzhikova, candidate of biological sciences, senior researcher at the laboratory of molecular genetics of the department of biotechnology and molecular genetics, Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Zhilina village, Orel region, Russia; ORCID 0000-0002-2641-2172, AuthorID 971277.
E-mail: dolzhikova.mari94@mail.ru

Anna V. Pikunova, candidate of biological sciences, senior researcher at the laboratory of molecular genetics of the department of biotechnology and molecular genetics, Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Zhilina village, Orel region, Russia; ORCID 0000-0003-4269-4250, AuthorID 750838.
E-mail: pikunova@orel.vniispk.ru

Tatyana V. Yanchuk, candidate of agricultural sciences, chief researcher at the laboratory of pome crop breeding, Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Zhilina village, Orel region, Russia;
ORCID 0000-0003-4077-7095, AuthorID 607593. *E-mail: yanchuk@orel.vniispk.ru*

Viktoriya E. Kolmykova, junior researcher at the laboratory of molecular genetics of the department of biotechnology and molecular genetics, Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Zhilina village, Orel region, Russia; ORCID 0009-0003-9604-7080, AuthorID 1113302. *E-mail: kolmykova@orel.vniispk.ru*

Anna A. Pavlenko, junior researcher at the laboratory of molecular genetics of the department of biotechnology and molecular genetics, Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Zhilina village, Orel region, Russia; ORCID 0000-0002-7664-8896, AuthorID 1035311. *E-mail: pavlenko@orel.vniispk.ru*